

Untersuchung zum Einfluss des Gens Properdin (factor B) auf Fruchtbarkeit an einer kommerziellen Zuchtsauen-Praxispopulation

B. BUSKE, C. BRUNSCH, K. ZELLER und P. REINECKE

Institut für Nutztierwissenschaften, FG Züchtungsbiologie und molekulare Genetik,
Humboldt-Universität zu Berlin, Philippstr. 13, 10115 Berlin

Einleitung

In der Tierzucht wird die Eignung von landwirtschaftlichen Nutztieren zur Nutzung gewünschter Merkmale überwiegend nur anhand ihrer phänotypischen Leistung überprüft. Im Hinblick auf Fruchtbarkeitsparameter bei multipaaren Tieren ist dies in der Schweinezucht mit langem Generationsintervall, zuchtorganisatorischem Aufwand, großen Tierzahlen und hohen Kosten verbunden. In der Schweinezucht könnte eine Erhöhung der lebend geborenen Nachkommen als wichtigstes Merkmal der Fruchtbarkeit dazu beitragen, auch in Zukunft eine ausreichende Versorgung tierischer Produkte zu gewährleisten. Dies gilt vor allem dort, wo aufgrund suboptimaler Fütterungsbedingungen (z. B. den Tropen und Subtropen) keine Ausschöpfung des Leistungspotentials bzw. keine Verbesserungen möglich sind (WIMMERS et al., 2000). Gelingt es zukünftig, ergänzende molekulargenetische Tests zum Einsatz zu bringen, liessen sich durch Vorselektion zeit- und kostenintensive Testverpaarungen vermeiden.

Als molekulargenetisches Verfahren, um entsprechende Gene zu detektieren, bietet sich der Kandidatengenansatz an, bei welchem ein Gen direkt auf einen gewünschten Parameter hin untersucht wird (ROTHSCHILD et al., 2000). Properdin ist solch ein Kandidatengen. Am Modelltier Maus wurde dieses Gen im Hinblick auf Wurfgrösse bereits untersucht und moderate Effekte nachgewiesen (MATSUMOTO et al., 1997). Ausserdem konnte bei Mäusen eine Chromosomenregion auf Chromosom 17 bestimmt werden, die mit Fruchtbarkeitsheterosis in Zusammenhang steht (BRUNSCH et al., 1998). In dieser Region befindet sich der Histokompatibilitätskomplex, zu dem u.a. das Gen Properdin gehört. Aufgrund von Datenbankrecherchen (mouse genome database) wurde festgestellt, dass dieser Genomabschnitt in einer homologen Region zwischen Chromosom 17 der Maus und Chromosom 7 des Schweins liegt. Ferner ist Properdin an der Ausprägung verschiedener Reproduktionsmerkmale, wie der Überlebensfähigkeit der Nachkommen sowie dem Uterusepithel, beteiligt (HASTY et al., 1993).

Das Ziel dieser Untersuchung bestand in der Übertragung der am Modelltier Maus gewonnenen Erkenntnisse über eine fruchtbarkeitsrelevante Chromosomenregion auf kommerzielle Zuchtsauen-Populationen. Es wird mit diesem Forschungsvorhaben ein bedeutender Beitrag für zukünftige Strategien im Bereich der Hybridzüchtung landwirtschaftlicher Nutztiere geleistet.

Material und Methoden

Tiermaterial

Die allgemeinen Anforderungen an das Tiermaterial bestanden im Vorliegen vollständiger Pedigree-Angaben, einheitliche Fütterung, Haltung und Besamung (künstliche Besamung mit Frischsperma) sowie gute Gesundheit der F₂-Hybridsauen.

Insgesamt standen 434 F₂-Hybridsauen der Kreuzung (Large White x Landrasse) x Leicoma der Sauenzuchtanlage Polkenberg (Bundesland Sachsen, Deutschland) zur Verfügung, die mindestens vier Würfe aufwiesen. Die Anpaarungen zur Erzeugung der Mastschweine erfolgten mit Piétrain-Ebern. Es wurden zwei extreme Leistungsgruppen gebildet, bei denen drei Würfe (Würfe 2 bis 4) Berücksichtigung fanden (Tabelle 1).

Tab. 1: Leistungsgruppen der F₂-Hybridsauen auf der Basis insgesamt geborener Ferkel (IGF)

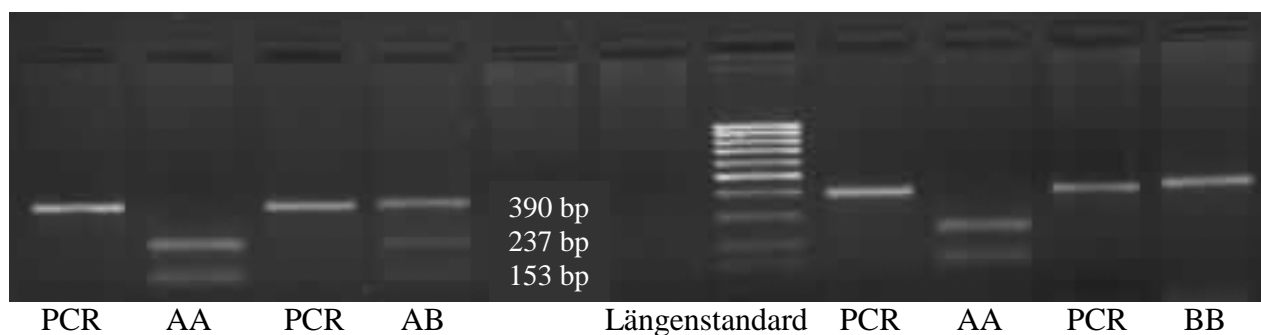
Leistungsgruppe	Anzahl F ₂ -Hybridsauen	Mittelwert der Würfe 2 bis 4
Hochleistungsgruppe	61	≥14,3 IGF
Niedrigleistungsgruppe	62	≤11,3 IGF

Von den 123 F₂-Hybridsauen der beiden Leistungsgruppen wurde aus dem Ohrknorpel DNA isoliert.

Genotypisierung der Tiere

Die Genotypisierung von Properdin erfolgte mittels PCR-RFLP nach der Methode von JIANG und GIBSON (1998), die im Hinblick auf die PCR optimiert wurde. In Abbildung 1 sind die drei verschiedenen Genotypen dargestellt.

Abb.1: Verschiedene Properdin-Genotypen mit dazugehörigem PCR-Produkt und einem 100 bp-Längenstandard (2% Agarose-Gelelektrophorese)



Biostatistische Auswertung

Es wurde geprüft, inwieweit Signifikanz eines bestimmten Genotyps zwischen den beiden Leistungsgruppen vorliegt. Hierzu fanden der Chi-Quadrat- und der Exakte Test nach Fisher

Anwendung. Ausserdem war unter Nutzung von Varianzanalyse sowie einem Mittelwertevergleich mittels Duncan-Test zu untersuchen, ob ein Einfluss der verschiedenen Genotypen auf die Anzahl der insgesamt geborenen Ferkel (IGF) sowie auf die lebend geborenen Ferkel (LGF) besteht.

Ergebnisse

Genotypenverteilung, Genotypen- und Allelfrequenzen

Tab.2: Genotypenverteilung von Properdin in den beiden Leistungsgruppen

Genotyp	Hochleistungsgruppe (n =61)	Niedrigleistungsgruppe (n = 62)	Insgesamt
AA	0	3	3
AB	7	13	20
BB	54	46	100

Über das gesamte Tiermaterial betrug die Genotypenfrequenz 2,4% (AA) : 16,8% (AB) : 80,8% (BB) und die Allelfrequenz 0,11 (A) : 0,89 (B). Die unterschiedlichen Verteilungen des Genotyps lagen bezogen auf die beiden Leistungsgruppen nach dem Chi-Quadrat- und dem Exakten Test nach Fisher mit $p=0,055$ geringfügig über der Signifikanzgrenze von $\alpha=0,05$.

Additive und dominante Effekte, Dominanzgrad

Es ergaben sich dominante Effekte von 0,76 und additive Effekte von 1,32. Der Dominanzgrad wurde mit 0,58 berechnet, so dass von partieller Dominanz ausgegangen werden kann.

Einfluss des Genotyps auf die Wurfgrösse

Tab.3: Effekt des Genotyps auf die Wurfgrösse der 123 F₂-Hybridsauen mit den Würfen 2 bis 4 (IGF und LGF)

Genotyp	Wurfgrösse (IGF)	Wurfgrösse (LGF)	Anzahl Würfe
AA	10,55 ^a	10,00 ^a	9
AB	12,63 ^b	11,43 ^b	60
BB	13,19 ^b	12,11 ^b	300

Unterschiedliche Buchstaben je Spalte bedeuten Signifikanz, $p<0,05$

Diskussion und Schlussfolgerungen

Bisherige Untersuchungen zu Genen bzw. Chromosomenregionen im Hinblick auf Fruchtbarkeitsparameter beim Schwein wurden beinahe ausschließlich an Referenzfamilien mit gezielten Anpaarungstests durchgeführt. Wie aus den Tabellen 2 und 3 ersichtlich wird, sind die Genotypen- und Allelfrequenzen für das Gen Properdin in der analysierten Praxispopulation nicht gleichmäßig

verteilt. Dennoch kann geschlussfolgert werden, dass das A-Allel das Ungünstigere im Hinblick auf die Wurfgrösse ist. Dies ergibt sich sowohl aus der Tatsache, dass es in der Hochleistungsgruppe tendenziell weniger vertreten ist als in der Niedrigleistungsgruppe und bei Berücksichtigung von drei Würfen je Sau (2. bis 4. Wurf) signifikant mit einer geringeren Anzahl Nachkommen (IGF und LGF) assoziiert ist. Es wird daher empfohlen, bei einer Praxispopulation einen gezielten Anpaarungstest durchzuführen, bei dem ausgewogenere Genotypen- und Allelfrequenzen erwartet werden können, um dieses Ergebnis abzusichern. Ferner ist zu berücksichtigen, dass der untersuchte Polymorphismus im Intronbereich des Gens liegt und bisher keine Kenntnis über die funktionelle Mutationen besteht.

Danksagung

Besonderer Dank gilt der Schaumann-Stiftung für die Finanzierung der Projektstelle. Ausserdem wird dem PIC-Datendienst und der Zuchtsauenanlage Polkenberg (Sachsen) für die Unterstützung bei der Datenmaterialerfassung und der Bereitstellung des Tiermaterials gedankt.

Literatur

- BRUNSCH, C., U. PHILLIP, G. MOSER, G. LEUTHOLD, H. GELDERMANN, P. REINECKE (1998): Identification of QTLs with associations to heterosis in litter size. XXVI International Conference on Animal Genetics, Aug. 9-14, 1998; Auckland, New Zealand
- HASTY, L.A., W.W. BROCKMAN, J.D. LAMBRIS, C.R. LYTTLE (1993): Hormonal regulation of complement factor B in human endometrium. *Am. J. Reprod. Immunol.* **30**, 63-67
- JIANG, Z.H., J.P. GIBSON (1998): Rapid communication: A PCR-RFLP marker at the porcine complement factor B gene locus shows between-population frequency variation. *Am. So. of Anim. Sci.* 1716
- MATSUMOTO, M., W. FUKUDA, A. CIRCOLO, J. GOELLNER, J. STRAUSS-SCHOENBERGER, X. WANG, S. FUJITA, T. HIDVEGI, D.D. CHAPLIN, H.R. COLTEN (1997): Abrogation of the alternative complement pathway by targeted deletion of murine factor B. *Immunology* **94**, 8720-8725
- ROTHSCHILD, M.F., L. MESSER, A. DAY, R. WALES, T. SHORT, O. SOUTHWOOD, G. PLASTOW (2000): Investigation of the retinol-binding protein 4 (RBP4) gene as a candidate gene for increased litter size in pigs. *Mammalian Genome* **11**, 75-77
- WIMMERS, K., S. PONSUKSILI, T. HARDGE, A. VALLE-ZARATE, P.K. MATHUR, P. HORST (2000): Genetic distinctness of African, Asian and South American local chickens. *Anim. Genetics* **31**, 159-165